

```
> O < IntelliGenetics
> O <
```

PEP - PolyPeptide Analysis System
Version 5.4

Begin recording for user sdavid at 5-May-04 6:28am

PEP: hydropathicity

Hydropathicity: which set of hydropathicity values?
("H" = Hopp and Woods, "K" = Kyte and Doolittle): h

The window values from "hopp.win" have been loaded.

The window values in this file were originally obtained from
Hopp, T.P., and Woods, K.R. "Prediction of protein antigenic
determinants from amino acid sequences". Proc. Natl. Acad. Sci.
USA 78: 3824-3828, 1981.

There are no peptides currently loaded into pep.

Name of file to load (<CR>=cheu.pep):

1. PEP1 ; Entered [sdavid 4-May-04 16:48]
 2. PEP2 ; Entered [sdavid 4-May-04 16:49]
 3. PEP3 ; Entered [sdavid 4-May-04 16:50]

Continuing...

Name or number of the peptides to be analyzed (<CR> when done).

Peptide: 1

Peptide: 2

Peptide: 3

Peptide:

Do you wish to save the calculated results to a file? (<CR>=NO) yes
File to store values in (<CR>=new.val): hopp.val
PEP1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	
A	-.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000
B	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	
C	-1.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
D	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
E	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
F	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	
G	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	
H	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	
I	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
J	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
K	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
L	-1.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
M	-1.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
N	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
O	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
P	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
Q	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
R	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
S	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
T	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
U	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
V	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
W	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
Z	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	

Arithmetic Averaging:

"+" OR "-" after a residue number indicates a charged residue.

PEP3

PEP1

Peptide:

Do you wish to save the calculated results to a file? (<CR>=NO) yes
File to store values in (<CR>=new.val): hopp.val
PEP1

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	
A	-.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000	-1.000	3.000	3.000	-2.500	.000
B	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000
C	-1.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
D	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
E	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
F	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000
G	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000
H	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000	-.500	-.500	.000	-.500	.000
I	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
J	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
K	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000	3.000		
L	-1.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
M	-1.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
N	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
O	.000	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	-.500	
P	.000	-.500	-.500	-.500																							

PEP1 1 9
 Residue Value
 A Ala - .5
 B Asx 0
 C Cys -1
 D Asp 3
 E Glu 3
 F Phe -2.5
 G Gly 0
 H His - .5
 I Ile -1.8
 J N/A 0
 K Lys 3
 L Leu -1.8
 M Met -1.3
 N Asn .2
 O N/A 0
 P Pro 0
 Q Gln .2
 R Arg 3
 S Ser .3
 T Thr - .4
 U N/A 0
 V Val -1.5
 W Trp -3.4
 X Xaa 0
 Y Tyr -2.3
 Z Glx 0

Window-Size = 6

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1 1

PEP2 1 9
 Residue Value
 A Ala - .5
 B Asx 0
 C Cys -1
 D Asp 3
 E Glu 3
 F Phe -2.5
 G Gly 0
 H His - .5
 I Ile -1.8
 J N/A 0
 K Lys 3
 L Leu -1.8
 M Met -1.3
 N Asn .2
 O N/A 0
 P Pro 0
 Q Gln .2
 R Arg 3
 S Ser .3
 T Thr - .4
 U N/A 0
 V Val -1.5
 W Trp -3.4
 X Xaa 0
 Y Tyr -2.3
 Z Glx 0

Window-Size = 6

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1 1

PEP2 1 10
 Residue Value
 A Ala -.5
 B Asx 0
 C Cys -1
 D Asp 3
 E Glu 3
 F Phe -2.5
 G Gly 0
 H His - .5
 I Ile -1.8
 J N/A 0
 K Lys 3
 L Leu -1.8
 M Met -1.3
 N Asn .2
 O N/A 0
 P Pro 0
 Q Gln .2
 R Arg 3
 S Ser .3
 T Thr - .4
 U N/A 0
 V Val -1.5
 W Trp -3.4
 X Xaa 0
 Y Tyr -2.3
 Z Glx -.5571

Window-Size = 6

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1 1

PEP2 1 10
 Residue Value
 A Ala -.5
 B Asx 0
 C Cys -1
 D Asp 3
 E Glu 3
 F Phe -2.5
 G Gly 0
 H His - .5
 I Ile -1.8
 J N/A 0
 K Lys 3
 L Leu -1.8
 M Met -1.3
 N Asn .2
 O N/A 0
 P Pro 0
 Q Gln .2
 R Arg 3
 S Ser .3
 T Thr - .4
 U N/A 0
 V Val -1.5
 W Trp -3.4
 X Xaa 0
 Y Tyr -2.3
 Z Glx 0

Window-Size = 6

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1 1

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1

Residue	Value
A	1.8
B	-3.5
C	2.5
D	-3.5
E	-3.5
F	2.8
G	-4
H	-3.2
I	4.5
J	0
K	-3.9
L	3.8
M	1.9
N	-3.5
O	0
P	-1.6
Q	-3.5
R	-4.5
S	-0.8
T	-0.7
U	0
V	4.2
W	-0.9
X	0
Y	-1.3
Z	-3.5

Window-Size = 6

Weight Values = 1 1 1 1 1 1 1

Residue	Value
1	G/Gly
2	P/Pro
3	F/Phe
4	F/Phe
5	L/Leu
6	A/Ala
7	A/Ala
8	S/Ser
9	V/Val
10	1.7429

PEP2_1

Residue

Value